

目次

复合污染条件下人为源 VOCs 的 SOA 生成研究进展	陈天增, 刘俊, 马庆鑫, 楚碧武, 张鹏, 刘永春, 刘昌庚, 贺泓 (1201)
全氟和多氟烷基化合物微生物降解与转化研究进展	孙红文, 方博, 陈浩, 赵茂森, 张耀之, 乔碧汀, 喻蒙 (1214)
湖泊水质参数遥感监测研究进展	王思梦, 秦伯强 (1228)
淡水环境中微塑料与重金属的“木马效应”研究进展	赵伟高, 田一梅, 赵鹏, 赵令铨, 金超 (1244)
长江经济带二氧化碳净排放时空演变特征及脱钩效应	吴一帆, 许杨, 唐洋博, 贾宁, 李玮, 李翀, 殷国栋 (1258)
中国土地利用碳排放变化及协调分区	李缘缘, 魏伟, 周俊菊, 郝瑞军, 陈帝伯 (1267)
基于 STIRPAT 模型天津减污降碳协同效应多维度分析	刘茂辉, 岳亚云, 刘胜楠, 李婧, 刘佳泓, 孙猛 (1277)
基于燃料生命周期的中国铁路排放趋势	佟惠, 范朝阳, 梁晓宇, 孙露娜, 门正宇, 赵肖阳, 毛洪钧 (1287)
浙江省大气颗粒物 PM _{2.5} 化学组分污染特征分析	周菁清, 余磊, 陈书鑫, 陆佳峰, 许亚璐, 季海冰, 张柳芳, 刘劲松, 王静 (1297)
南京亚微米级颗粒物化学组成的季节变化、粒径分布和来源	徐振麒, 尚玥, 丁峰, 谢鸣捷, 王勤耕 (1310)
洛阳地区碳质组分季节特征及来源解析: 棕碳的重要贡献	闫广轩, 侯明阳, 张朴真, 王洁琦, 王虎, 李崇浩, 王跃思 (1319)
江苏省 2019 年 S/IVOCs 排放清单及分布特征	宋童艾, 张佳颖, 关璐, 胡建林, 于兴娜 (1328)
珠三角典型工业区挥发性有机物 (VOCs) 组成特征: 含氧挥发性有机物的重要性	宋鑫, 袁斌, 王思行, 何贤俊, 李小兵, 彭钰雯, 陈钰彬, 齐吉朋, 蔡嘉骅, 黄山, 胡丹, 魏文, 刘可旋, 邵敏 (1336)
2000 ~ 2020 年天津市机动车全过程 VOCs 排放特征及演变	孙露娜, 仲崇智, 孙世达, 刘妍, 佟惠, 吴亚君, 宋鹏飞, 张丽娜, 黄旭, 吴琳, 毛洪钧 (1346)
港口自有移动源大气污染物排放清单	徐小凡, 王宝庆, 吴俊成, 李怡诺 (1357)
基于改进水资源生态足迹模型的中国水资源可持续利用仿真及调控	欧阳兴涛, 廖浩宇, 姜秋香, 王子龙 (1368)
黄河流域入海口典型区域有机磷酸酯分布特征和风险评估	曹渺, 郭昌胜, 张恒, 刘士清, 陈苗, 吕佳佩, 侯嵩, 尤新军, 徐建 (1378)
桂林会仙岩溶湿地水体与沉积物中有机氯农药污染特征	余悦, 邢新丽, 程铖, 刘威杰, 张标, 孔祥胜, 李森, 余海阔, 罗为群, 祁士华 (1387)
广东茂名主要水系表层沉积物重金属风险评估及源解析	陈小霞, 张敏, 李蓓, 温鹏翀, 丁平, 姚玲爱, 马千里, 李廷真, 蔡丹, 胡国成 (1397)
宁波市地表水重金属时空分布特性和健康风险评价	徐美娟, 杨佳, 任晓景, 赵红燕, 高夫燕, 蒋跃军 (1407)
典型西北山地-绿洲系统不同水体水化学特征及其水力关系分析	王诗语, 孙从建, 陈伟, 周思捷, 张鑫 (1416)
牟汶河中上游孔隙水化学特征及控制因素	刘元晴, 周乐, 吕琳, 李伟, 王新峰, 邓启军, 郑一迪, 李常锁 (1429)
石河子-昌吉地区地下水水质时空变化及污染源解析	丁启振, 周金龙, 季彦桢, 杨方源, 张淑霞 (1440)
北方富营养分层型水库藻类季节性暴发机制及其阈值分析	温成成, 黄廷林, 孔昌昊, 张志刚, 田鹏飞 (1452)
拉林河流域底栖硅藻群落结构特征及水生态健康评价	单涛, 袁安龙, 黄子芮, 周静怡, 陆欣鑫, 范亚文 (1465)
南昌市湖泊丰水期浮游细菌群落结构及影响因素	高鹏飞, 王鹏, 黄伟, 丁明军, 张华, 聂明华, 黄高翔 (1475)
调蓄水库细菌群落季节变化特征与影响因素	丁宁, 杨莹莹, 万年新, 徐爱玲, 葛建华, 宋志文 (1484)
典型城市内河细菌组成与氮循环功能垂直分布及溯源分析	谭秋阳, 吕金燕, 白献宇, 程莉蓉, 李晓艳, 郭蕾 (1497)
滇中高原水库外源污染负荷贡献解析与环境容量核算	郭玉静, 李红兵, 王树明, 白乙娟, 任良锁, 丁爱中 (1508)
窄孔径含磷棉秆生物质炭的制备及对四环素的吸附机制	曾少毅, 李坤权 (1519)
高比表面疏脲改性花生壳炭的制备及对四环素和铜的吸附	闵炳坤, 李坤权 (1528)
不同供水管材生物膜抗生素抗性基因分布特征	刘晨旭, 白晓慧 (1537)
水蚀环境植被恢复对土壤有机碳固存和团聚体稳定的影响: Meta 分析	杨睿哲, 杨世龙, 翁希哲, 徐灵颖, 刘雪健, 杜运田, 张雪辰, 郑伟, 翟丙年, 王朝辉, 李紫燕 (1542)
增温施肥对稻麦农田土壤有机碳及其活性组分的影响	邓旭哲, 韩晨, 薛利祥, 侯朋福, 薛利红, 杨林章 (1553)
三江源地区高寒草地土壤功能的水平分异特征及其沿发生层的垂直变化	李柏键, 申聪聪, 刘四义, 吴华勇, 王继琛, 赵冬辉, 葛源 (1562)
鄱阳湖平原直播稻 CH ₄ 通量及其与 CO ₂ 通量的综合温室效应	时元智, 崔远来, 时硕, 洪大林, 程婕 (1572)
不同土地利用类型土壤多环芳烃的纵向污染特征及来源解析	周芷嫣, 张秀秀, 王飞, 朱昌达, 潘剑君 (1583)
石家庄道路灰尘中全氟/多氟化合物及其新型替代品的污染特征及健康风险评估	李鹏飞, 王媛, 杨晨, 史亚利, 崔建升 (1593)
南方典型矿区农业小流域耕地土壤重金属空间分布特征及污染评价	杨宇, 郭婷婷, 刘孝利, 铁柏清 (1602)
三峡库区(重庆段)菜地土壤重金属污染特征、潜在生态风险评估及源解析	石雨佳, 方林发, 方标, 叶莘莘, 范晓霞, 高坤鹏, 陈征, 肖然 (1611)
兰州市耕地表层土壤重金属的积累特征及其影响因素分析	康乐, 彭鑫波, 马延龙, 张利瑞, 张妍娥, 王泉灵, 张松林 (1620)
粤北典型工矿区土壤重金属富集特征、来源解析及风险评价	王越, 莫莉, 余新晓, 师华定, 费杨 (1636)
三门峡某铝厂遗留场地土壤重金属空间分布特征及来源解析	卢小慧, 余方中, 范一鸣, 杨阳 (1646)
某试验场土壤重金属分布特征及其污染评价	王诗雨, 李淳, 赵洪伟, 陈希, 张慧君, 朱勇兵, 赵三平, 计超, 刘晓东 (1657)
化学淋洗联合电动技术修复重金属污染土壤的效果及其机制	马强, 卫泽斌, 吴启堂 (1668)
再生铜冶炼过程中重金属排放特征和控制	林炳丞, 吴广龙, 郑明辉, 刘国瑞 (1678)
长江流域(安徽段)土壤-作物系统重金属污染特征及健康风险评价	刘海, 魏伟, 黄健敏, 赵国红 (1686)
稻-麦轮作模式下不同钝化材料对镉污染农田土壤的原位钝化效应	张路, 唐婵, 余海英, 李廷轩, 张锡洲, 黄化刚 (1698)
巯基化蒙脱石用于镉污染农田安全生产的效果及其持久性	冯先翠, 陈亚刚, 焦洪鹏, 曹鹏, 朱凤榕, 李媛媛, 江海燕 (1706)
蚯蚓、秸秆和柠檬酸对少花龙葵与韭菜修复铅镉污染土壤的影响	陈敏妮, 袁小奇, 张金峰, 何川黔, 高波 (1714)
地质高背景区富 Se 耕地可利用性研究及区划建议	王锐, 李瑜, 余京, 周蛟, 余飞, 张云逸, 蒋玉莲 (1727)
张家口市北新屯地区蔬菜种植区锆元素富集特征及成因分析	安永龙, 殷秀兰, 金爱芳, 李文娟, 鲁青原 (1735)
三峡库区消落带落叶杉人工林土壤细菌群落结构多样性及动态变化	谭雪, 董智, 张丽苗, 袁中勋, 李昌晓 (1748)
黄土丘陵区退耕还林对土壤真菌群落的影响	张蕾, 王强, 杨新月, 吕俊平 (1758)
化肥减量配施有机肥对土壤功能微生物和柠檬产量及品质的影响	王蕊燕, 熊子怡, 罗东海, 王子芳, 高明 (1768)
鸡粪和猪粪生物发酵过程中抗生素抗性基因的动态变化	张丹, 彭双, 王丹青, 王一鸣, 林先贵 (1780)
牛粪还田对土壤微生物群落特征的影响	张雅丽, 郭晓明, 胡慧, 郭暖, 徐小涛, 李建林 (1792)
《环境科学》征订启事(1406) 《环境科学》征稿简则(1592) 信息(1635, 1667, 1677)	

调蓄水库细菌群落季节变化特征与影响因素

丁宁¹, 杨莹莹¹, 万年新², 徐爱玲¹, 葛建华², 宋志文^{1*}

(1. 青岛理工大学环境与市政工程学院, 青岛 266520; 2. 山东省引黄济青工程棘洪滩水库管理处, 青岛 266111)

摘要: 为探究调蓄水库水体细菌群落的季节变化特征与影响因素, 以引黄济青工程的唯一调蓄水库——青岛棘洪滩水库为研究对象, 采用高通量测序技术, 结合水质分析指标, 探究细菌群落结构以及与环境因子的关系。结果表明, 细菌群落多样性和丰富度夏季最高, 冬季最低, 进水口高于出水口。细菌群落结构组成春季与冬季相似, 夏季与秋季相似。Actinobacteriota (6.63%~57.38%)、Proteobacteria (11.32%~48.60%)、Bacteroidota (5.05%~25.74%) 和 Cyanobacteria (0.65%~24.74%) 为优势菌门, Chloroflexi、Dependentiae、Fusobacteriota 和 Margulisbacteria 相对丰度秋季最高, 冬季最低; Patescibacteria 和 Myxococcota 相对丰度夏季最高, 冬季最低; Acidobacteria 相对丰度春季最高, 冬季最低; *hgcI*_clade (3.72%~34.66%)、*CL500_29_marine_group* (0.31%~20.13%) 和 *Limnhabitans* (0.16%~10.37%) 为优势菌属, *Flavobacterium*、*Polaromonas* 和 *Rhodoferrax* 相对丰度冬季最高, 夏季最低; *Domibacillus* 和 *Limnobacter* 相反。进水口 Proteobacteria 和 Campilobacterota 相对丰度明显高于出水口, Planctomycetota 与之相反; 进水口 *Dinghuibacter*、*Arenimonas* 和 *Rhodobacter* 相对丰度明显高于出水口。细菌群落互作关系春季以竞争和拮抗为主, 冬季以互利共生为主, 不同季节和采样点共生网络中关键物种存在显著差异。水温、DO、蓄水量和蓄水来源对棘洪滩水库细菌群落结构组成影响较大。

关键词: 调蓄水库; 细菌群落结构; 季节变化; 影响因素

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)03-1484-13 DOI: 10.13227/j.hjxx.202204059

Seasonal Variation and Influencing Factors of Bacterial Communities in Storage Reservoirs

DING Ning¹, YANG Ying-ying¹, WAN Nian-xin², XU Ai-ling¹, GE Jian-hua², SONG Zhi-wen^{1*}

(1. School of Environmental and Municipal Engineering, Qingdao University of Technology, Qingdao 266520, China; 2. Shandong Jihongtan Reservoir Management Office of Yellow River Diversion Project, Qingdao 266111, China)

Abstract: In order to explore the seasonal variation and influencing factors of bacterial community structure in storage reservoirs, the impact of environmental factors must first be examined. In this study, the seasonal variation in bacterial community structure and its response to water quality factors were explored by monitoring the water quality of Qingdao Jihongtan Reservoir, the only reservoir of the Yellow River diversion project, using high-throughput sequencing technology and symbiotic network analysis. The results showed that the diversity and richness of bacterial communities were highest in summer and lowest in winter, and those in the inlet were higher than those in the outlet. The structure of the bacterial community was similar in spring and winter and in summer to autumn. The dominant bacteria phyla were: Actinobacteriota (6.63%-57.38%), Proteobacteria (11.32%-48.60%), Bacteroidota (5.05%-25.74%), and Cyanobacteria (0.65%-24.74%). Additionally, the abundances of Chloroflexi, Dependenceae, Fusobacteriota, and Margulisbacteria were the highest in autumn and the lowest in winter. The dominant bacterial genera were: *hgcI*_clade (3.72%-34.66%), *CL500_29_marine_group* (0.31%-20.13%), and *Limnhabitans* (0.16%-10.37%). Further, the abundances of *Flavobacterium*, *Polaromonas*, and *Rhodoferrax* were the highest in winter and the lowest in summer; the trend of *Domibacillus* and *Limnobacter* was the opposite. The abundance of Proteobacteria and Campilobacteriota in the inlet was significantly higher than that in the outlet, and the Planctomycetota showed the opposite. The abundances of *Dinghuibacter*, *Arenimonas*, and *Rhodobacter* in the inlet were significantly higher than those in the outlet. Competition and antagonism dominated the interaction relationship of bacterial communities in spring, whereas mutualism dominated in winter. There were significant differences among key species in the symbiotic network at different seasons and sampling sites. Water temperature, DO, water storage capacity, and water storage sources had a great influence on bacterial community structure in the Jihongtan Reservoir.

Key words: storage reservoir; bacterial community structure; seasonal variation; influencing factors

细菌是淡水生态系统稳定的基础,在淡水生态系统的物质循环和能量流动中发挥重要作用^[1,2]。诸多环境因子能够影响细菌群落结构组成,进而改变其生态功能^[3],同时由于水体理化性质的差异,不同时间和空间的细菌群落结构组成存在较大差异^[4,5],因此了解细菌群落结构组成对于维持淡水生态系统功能和探究其生物地球化学循环至关重要。目前已有学者对中国呼伦湖^[6]、中国白洋淀^[7]和挪威 Akersvannet 湖^[8]等自然湖泊的细菌群落结构与影响因素进行了研究,但对调蓄水库的相关研究较少。调蓄水库不同于自然水体的生态特征,通常

受人为影响较大^[9]。

引黄济青工程是将黄河水引入青岛的跨流域、远距离的大型调水工程,解决了青岛及沿线城市水资源供应不足的问题。棘洪滩水库作为引黄济青工程的唯一调蓄水库,是亚洲最大的平原围坝型水库,自 2015 年起,由引黄济青工程和南水北调东线工程双水源供水。棘洪滩水库承担了 90% 以上青岛市居

收稿日期: 2022-04-06; 修订日期: 2022-06-05

基金项目: 国家自然科学基金项目(31570541)

作者简介: 丁宁(1996~),男,硕士研究生,主要研究方向为环境微生物生态, E-mail: dingning1777@163.com

* 通信作者, E-mail: songzhiwen@qut.edu.cn

民用水,其水环境质量与人们生产生活密切相关^[10]。目前对棘洪滩水库浮游植物和氮磷营养盐动态变化已有研究报道^[10,11],但对其细菌群落结构组成还缺乏了解。

本文以青岛棘洪滩水库为研究对象,在水质理化指标分析的基础上,采用高通量测序技术对细菌群落结构组成进行表征,分析代表性物种的季节差异,利用共生网络分析细菌群落间的互作关系,采用冗余分析及相关性热图探讨细菌群落结构组成与水质理化指标和蓄水量的关系,以期为调蓄水库富营养化评价与水质调控提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 区域概况和样品采集

棘洪滩水库位于青岛市城阳区棘洪滩街道与即墨和胶州交界处(36°20′55″~36°23′31″N,

120°12′27″~120°14′55″E),围坝呈九边形,坝长为14.3 km,总面积为14 km²,设计水位为14.2 m,设计容量为1.46 亿 m³,采样期间蓄取水情况见表1,设置进水口(120°12′28″E;36°20′15″N)和出水口(120°14′55″E;36°22′22″N)2个采样点。距水面0.5 m和5 m处各采集水样5 L,混合后代表该采样点样品,采样时间为2021年1月~12月中旬采样日的10:00~12:00。每月采集进水口和出水口样品各1组,分别记为J1~J12和C1~C12。

1.2 水质理化指标分析方法

水温(*T*)、pH和溶解氧(DO)分别使用便携式温度计、pH计(HQ40d,美国哈希公司)和溶解氧仪(HQ30d,美国哈希公司)现场测定;氨氮(NH₄⁺-N)采用纳氏试剂分光光度法(HJ 535-2009)测定;亚硝酸盐氮(NO₂⁻-N)采用*N*-(1-萘基)-乙二胺分光光度法(GB 7493-87)测定;硝酸盐氮(NO₃⁻-N)采用

表1 棘洪滩水库蓄水来源情况
Table 1 Sources of water storage in Jihongtan Reservoir

月份	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
<i>v</i> (南水北调东线工程)/万 m ³	3 475	2 052	2 206	2 615	2 306	0	0	0	0	1 263	344	6 614
<i>v</i> (引黄济青工程)/万 m ³	1 084	1 487	638	681	713	2 548	0	0	0	0	0	0
<i>v</i> (峡山水库)/万 m ³	0	0	0	0	0	0	2 271	568	547	3 298	0	0
<i>v</i> (蓄水总量)/万 m ³	4 259	3 539	2 844	3 296	3 019	2 548	2 271	568	547	4 561	344	6 614

紫外分光光度法(HJ/T 346-2007)测定;总氮(TN)采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法(GB 11894-89)测定;总磷(TP)采用过硫酸钾消解钼锑抗比色法(GB 11893-89)测定;化学需氧量(COD)采用重铬酸盐法(HJ 828-2017)测定;叶绿素 *a*(Chl*a*)采用分光光度法(HJ 897-2017)测定。所有检测均在48 h内进行(*n*=3)。

1.3 高通量测序方法

将水样通过0.22 μm混合纤维滤膜抽滤,滤膜置于100 mL无菌离心管于-20℃保存。送至上海美吉生物医药科技有限公司进行DNA提取和高通量测序,测序片段为细菌16S rRNA基因的V4段,引物名称和引物序列为338F(5'-ACTCCTACGGAG GCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWT CTAAT-3'),测序平台为Illumina MiSeq。

1.4 数据分析与处理

理化指标单因素方差分析和Tukey HSD事后检验使用IBM SPSS Statistics 26进行,显著性水平为0.05。通过生信云平台([https://cloud. majorbio. com/](https://cloud.majorbio.com/))进行细菌测序数据的优化处理,将相似度大于97%的优质序列归为一个OTU,进行α多样性指数计算、主坐标分析(PCoA)、物种组成分析、物种差异性分析、冗余分析(RDA)和相关图件的绘制;

使用Origin 2018进行水质理化指标和α多样性指数图的绘制;使用Gephi 0.9.2进行共生网络图的绘制。

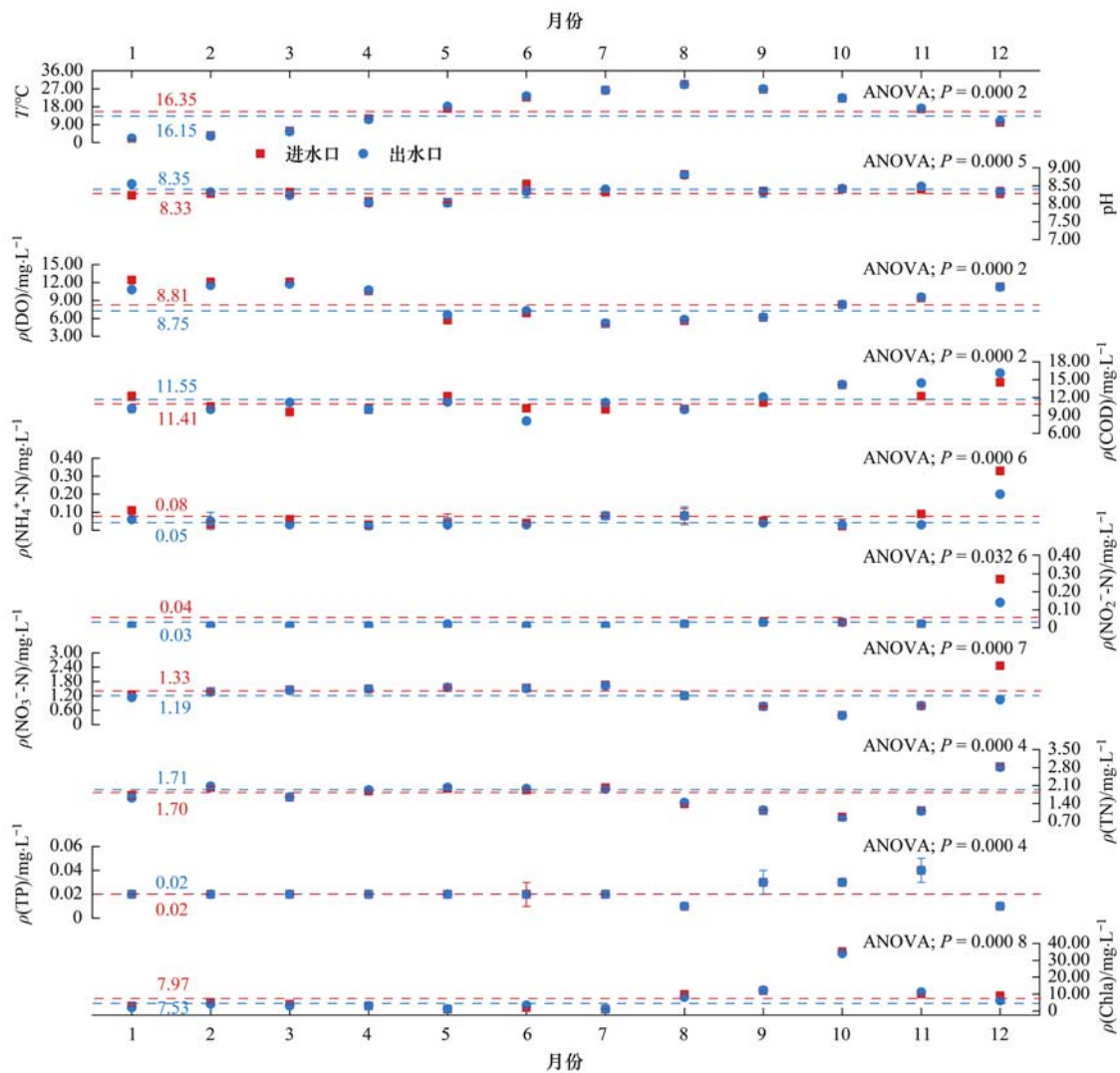
2 结果与分析

2.1 水质理化指标分析

棘洪滩水库水质理化指标见图1。各指标在不同月份均存在显著差异(*P*<0.05)。水体整体呈现弱碱性;1月水温最低,8月最高;DO与水温相反,7月最低,1月最高;COD全年变化较小,最高值和最低值分别出现在12月出水口和6月出水口;NH₄⁺-N最高值和最低值分别出现在12月进水口和10月进水口;12月进水口NO₂⁻-N明显升高,其余月份均维持在较低水平;TN和NO₃⁻-N秋季含量较低,冬季含量较高,最高值和最低值分别出现在12月进水口和10月出水口;TP最高值和最低值分别出现在11月进出口和8月出水口;Chl*a*秋季较高。总体棘洪滩水库满足《地表水环境质量标准》(GB 3838-2002)Ⅲ类标准,其中pH、DO、NH₄⁺-N、TP和COD满足Ⅰ类标准,TN满足Ⅴ类标准。

2.2 细菌群落α多样性

所有样品共得到753 024条高质量有效序列,6月进水口有效序列数最高,12月出水口有效序列数



“16.35”等数字表示平均值; $n=3$

图1 棘洪滩水库水质理化指标

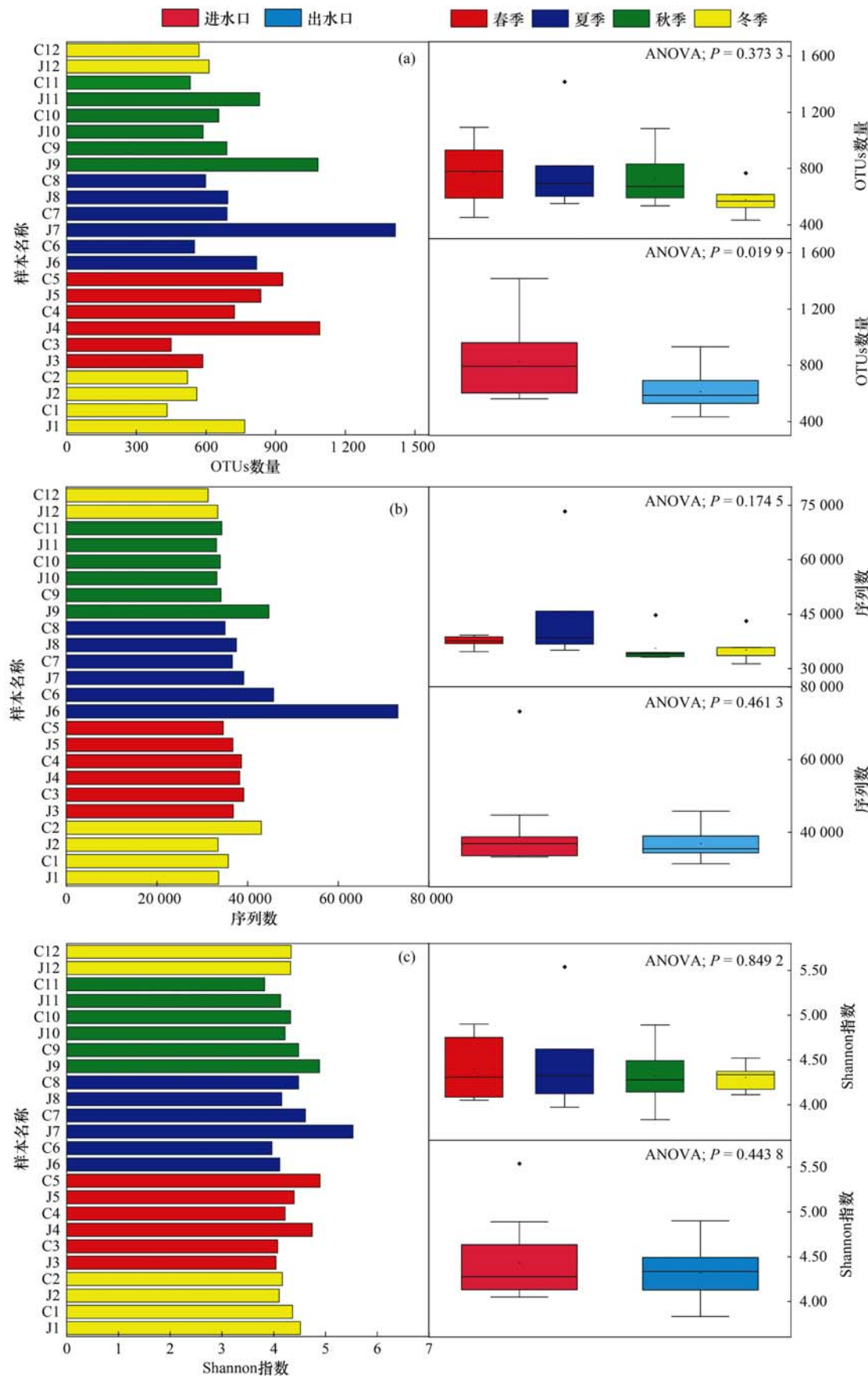
Fig. 1 Physical and chemical indexes of Jihongtan Reservoir

最低[图2(b)].将优质序列以相似度97%进行归并,得到3 199个 OTU,各样品覆盖率为98.98%~99.65%,表明测序深度能反映样品中的物种信息.所有样品的Chao指数均高于OTU值,说明水库中存在较多未知OTU序列^[12].OTU最大值出现在7月,最小值出现在1月,并且夏季整体高于其它季节[图2(a)]. α 多样性指数在不同季节均无显著差异($P>0.05$).Shannon最大值出现在7月,最小值出现在11月,整体表现为:夏季>春季>秋季>冬季,Simpson与Shannon表现相反[图2(c)和2(d)].Chao最大值出现在7月,最小值出现在1月,ACE与Chao表现相同[图2(e)和2(f)].从采样位置看,Shannon和Simpson在不同采样点无显著差异[图2(c)和2(d)],Chao和ACE在不同采样点存在显著差异[图2(e)和2(f)],进水口Shannon、Chao和ACE高于出水口,Simpson趋势相反.

2.3 细菌群落 β 多样性和结构组成

对各样品OTU序列进行PCoA分析,结果见图3.PC1和PC2解释度分别为29.12%和11.54%,棘洪滩水库细菌群落不同季节存在显著差异,春季和冬季样点主要集中在PC1负半轴,夏季和秋季样点主要集中在PC1正半轴,且春季和冬季、夏季和秋季均有重叠区域,说明春季和冬季细菌群落结构组成相似度较高,夏季与秋季细菌群落结构组成相似度较高(图3);同时可以看出,相同月份两个样点以及同一样点相邻月份样品聚集程度高,说明进水口与出水口以及同一采样点相邻月份的细菌群落结构组成相似度较高.

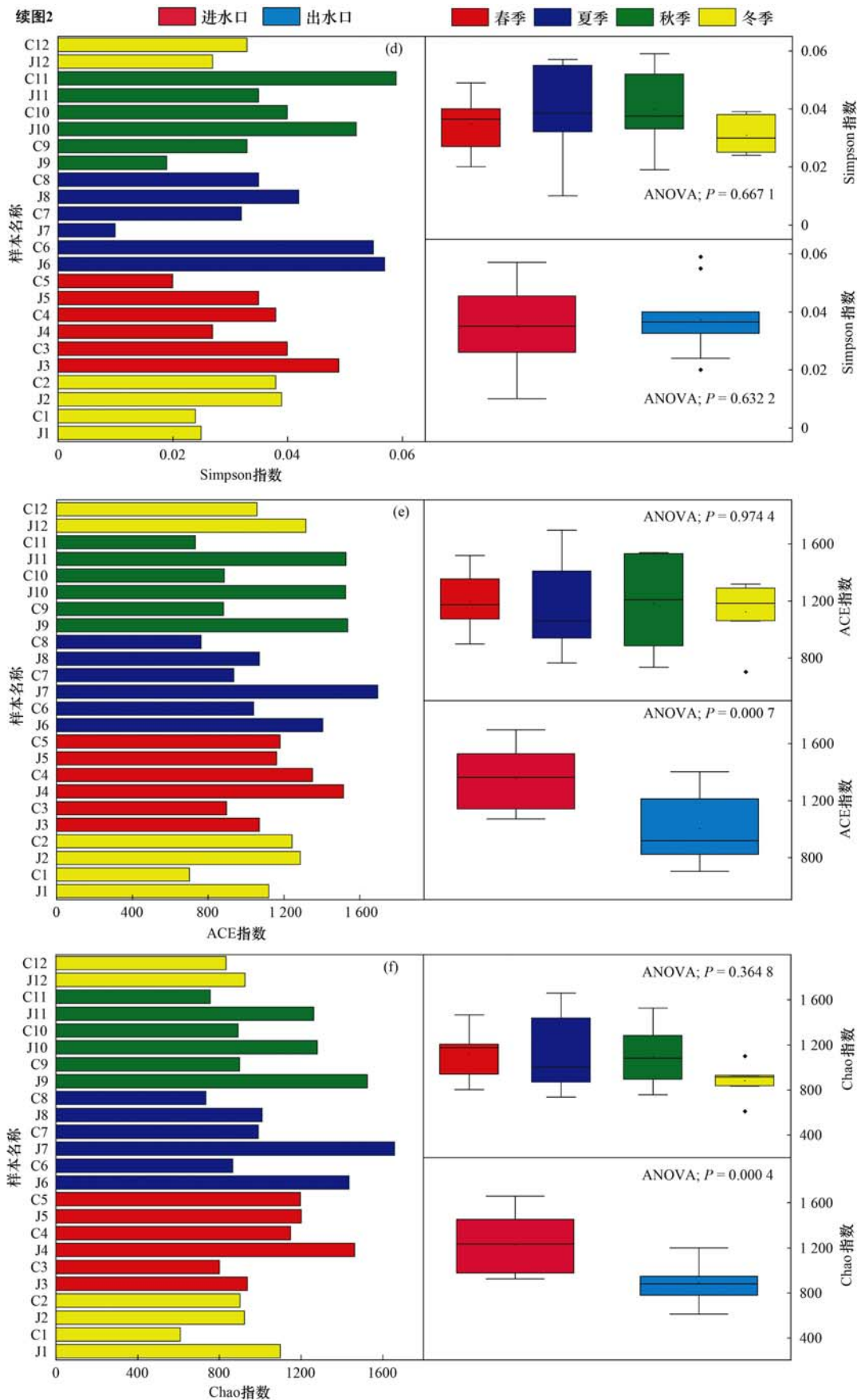
棘洪滩水库细菌共归为39个门,表现为:秋季(39)>夏季(36)>春季(35)=冬季(35).对相对丰度大于0.1%的菌门进行结构组成分析,结果见图4(a).Actinobacteriota(放线菌门,6.63%~57.38%)、Proteobacteria(变形菌门,11.32%~



(a) OTUs, (b) 序列数, (c) Shannon 指数, (d) Simpson 指数, (e) ACE 指数, (f) Chao 指数

图2 测序结果及 α 多样性指数

Fig. 2 Sequencing results and α diversity index



48.60%)、Bacteroidota (拟杆菌门, 5.05% ~ 25.74%) 和 Cyanobacteria (蓝菌门, 0.65% ~ 24.74%) 为优势菌门。Fimicutes (厚壁菌门)、Verrucomicrobiota (疣微菌门)、Planctomycetota (浮

霉菌门)、Chloroflexi (绿弯菌门) 和 Deinococcota (异常球菌门) 相对丰度均大于 0.1%, Dadabacteria 仅在冬季中检出, Hydrogenedentes (嗜氢菌门) 仅在春季中未被检出, Zixibacteria (河床菌门) 仅在冬季中未

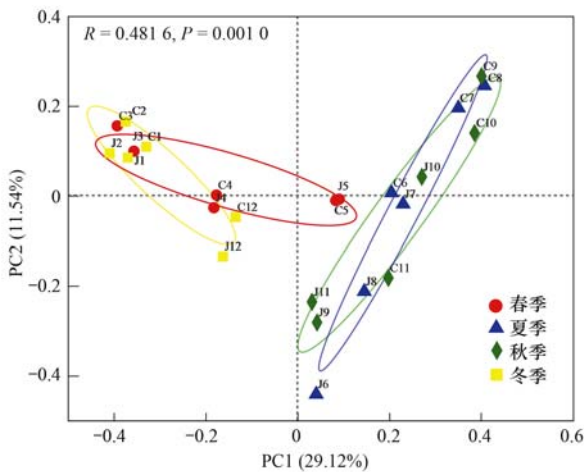


图3 棘洪滩水库细菌群落结构 OTU 水平 PCoA 分析

Fig. 3 PCoA analysis of bacterial community at OTU level in Jihongtan Reservoir

被检出[图4(a)]. 春季和夏季 Actinobacteriota 相对丰度整体高于秋季和冬季, Bacteroidota 呈相反趋势. Fimicutes 在7月进水口相对丰度为46.61%, Deinococcota 在12月进水口和出水口相对丰度较高,分别为5.89%和10.94%. Verrucomicrobiota 和 Planctomycetota 在5月出水口相对丰度较高,分别为8.54%和9.96%[图4(a)].

棘洪滩水库细菌共归为908个属,对相对丰度大于0.1%的菌属进行结构组成分析,见图4(b). *hgcl-clade* (3.72% ~ 34.66%)、*CL500-29_marine_group* (0.31% ~ 20.13%) 和 *Limnhabitans* (栖湖菌属, 0.16% ~ 10.37%) 为优势菌属, *norank_f_Sporichthyaceae* (抱鱼菌科未定名)、*Exiguobacterium* (微小杆菌属)、*norank_f_norank_o_Chloroplast* (叶绿体目未定名) 和 *Flavobacterium* (黄杆菌属) 相对丰度在 0.00% ~ 22.89% 范围内, 其中, *Exiguobacterium* 在1月~4月均未被检出, 在6月和11月相对丰度大于0.1%; *Flavobacterium* 在8月未被检出, 在1月和11月相对丰度大于0.1%; *Domibacillus* (房间芽孢杆菌属) 仅在春季和夏季检出, 秋季和冬季未被检出[图4(b)].

2.4 细菌群落组成差异性分析

不同季节细菌群落结构组成单因素 ANOVA 检验结果显示, 8个门在不同季节存在显著差异 ($P < 0.05$), 其中 Chloroflexi、Dependentiae、Fusobacteriota (梭杆菌门) 和 Margulisbacteria 秋季相对丰度最高, 冬季相对丰度最低; Patescibacteria (骸骨菌门) 和 Myxococcota (粘球菌门) 夏季相对丰度最高, 冬季相对丰度最低; Acidobacteria (酸杆菌门) 春季相对丰度最高, 冬季相对丰度最低[图5(a)]. 10个属在不同季节存在显著差异 ($P < 0.05$), 其中,

Flavobacterium、*Polaromonas* (极地单胞菌属) 和 *Rhodoferrax* (红育菌属) 冬季相对丰度最高, 夏季相对丰度最低; *Domibacillus*、*Acidibacter* (不动杆菌属) 和 *Limnobacter* 与 *Flavobacterium* 趋势相反[图5(b)].

进水口与出水口细菌群落结构组成单因素 ANOVA 检验结果显示, 进水口 Proteobacteria 和 Campilobacterota (弯曲杆菌门) 相对丰度明显高于出水口, Planctomycetota 呈相反趋势[图6(a)]; 属水平上, 进水口 *Dinghuibacter* (定慧杆菌属)、*Arenimonas* (砂单胞菌属)、*norank_f_Sphingomonadaceae* (鞘氨醇单胞菌科未定名)、*Rhodobacter* (红细菌属)、*norank_f_Steroidobacteraceae* (固醇杆菌科未定名)、*Novosphingobium* (新鞘脂菌属)、*unclassified_f_Oxalobacteraceae* (草酸杆菌科未分类) 和 *norank_f_Sutterellaceae* (萨特菌科未定名) 相对丰度明显高于进水口, *norank_o_Bradymonadales* (慢生单胞菌目未定名) 和 *unclassified_f_Saprospiraceae* (腐螺旋菌科未分类) 呈相反趋势[图6(b)].

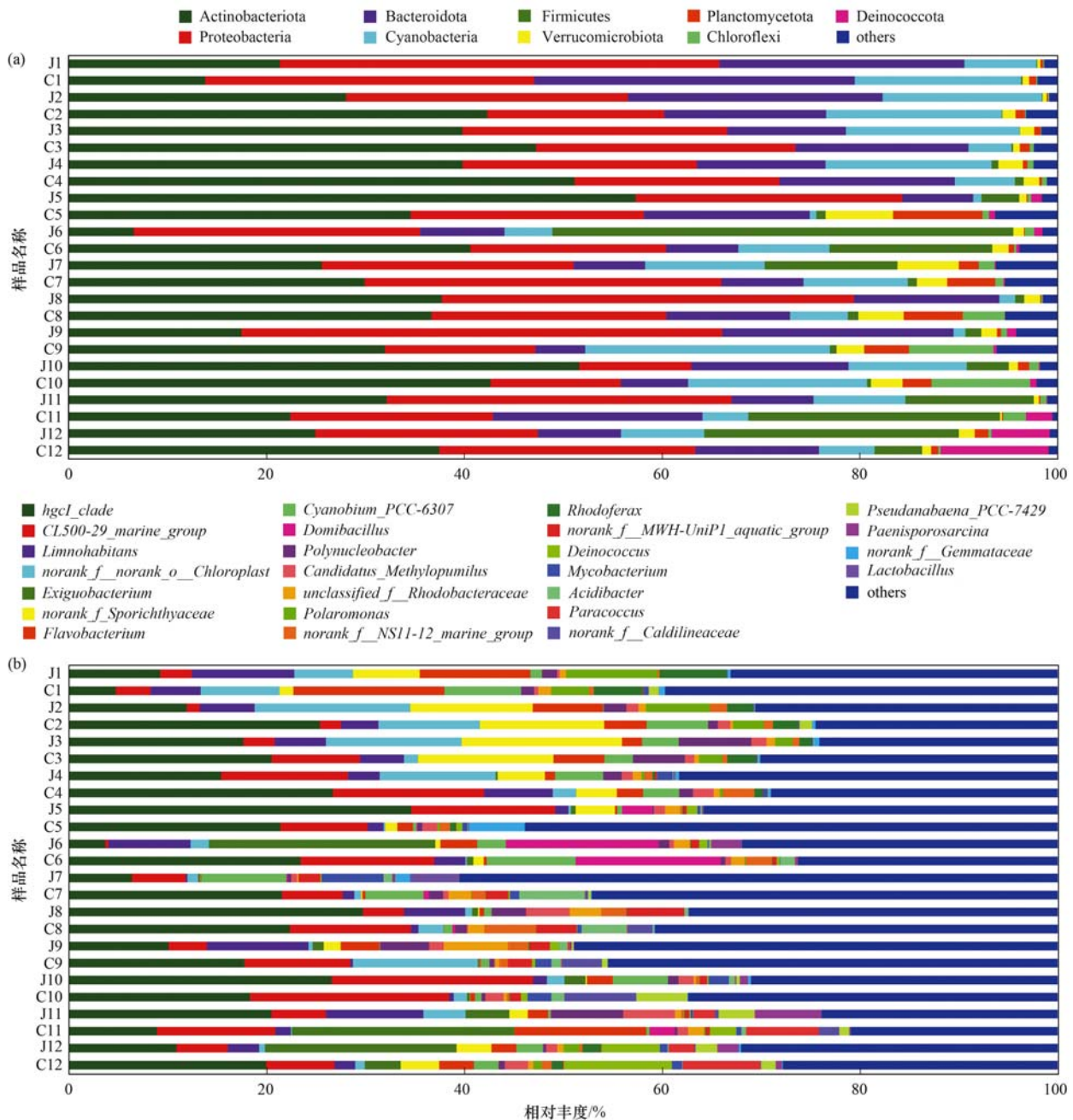
2.5 基于共生网络分析细菌互作关系

不同季节相对丰度前50种代表性菌属间相互作用关系分析结果显示, 春季细菌共生网络包括4个模块, 由129条边连接, 正相关关系52.71%, 负相关关系47.29%, 模块化程度为0.46[图7(a)]; 夏季细菌共生网络包括5个模块, 由103条边连接, 正相关关系54.37%, 负相关关系45.63%, 模块化程度为0.49[图7(b)]; 秋季细菌共生网络包括5个模块, 有119条边, 正相关关系53.78%, 负相关关系46.22%, 模块化程度为0.57[图7(c)]; 冬季细菌共生网络包括9个模块, 有107条边, 正相关关系57.01%, 负相关关系42.99%, 模块化程度为0.55[图7(d)].

进水口与出水口相对丰度前50种代表性菌属间相互作用关系分析结果显示, 进水口细菌共生网络包括5个模块, 由178条边连接, 正相关关系58.43%, 负相关关系41.57%, 模块化程度为0.53[图8(a)]; 出水口细菌共生网络包括4个模块, 由274条边连接, 正相关关系50.73%, 负相关关系49.27%, 模块化程度为0.21[图8(b)].

2.6 细菌群落与环境因子相关性

棘洪滩水库细菌群落与环境因子的相关性见图9. 由图9(a)可以看出, 选取的11种环境因子共解释了39.68%门水平细菌群落组成差异, 水温、DO和蓄水量是影响棘洪滩水库门水平细菌群落结构的主要环境因子. 由图9(b)可以看出, 影响物种数量



(a) 门水平, (b) 属水平

图4 棘洪滩水库细菌群落结构组成

Fig. 4 Composition of bacterial community in Jihongtan Reservoir

最多的环境因子是温度和 DO, pH 和 NO_3^- -N 对相对丰度大于 0.1% 的物种无显著影响. 水温与 *Chloroflexi*、*Verrucomicrobiota*、*Firmicutes* 和 *Deinococcota* 呈显著正相关关系, DO 对物种的影响与水温相反. NO_2^- -N 和 COD 与 *Deinococcota* 呈显著正相关关系. 蓄水量与 *Verrucomicrobiota* 呈显著正相关关系. 由图 9(c) 可以看出, 11 种环境因子共解释了 31.18% 属水平细菌群落结构组成差异. 水温和 DO 是影响棘洪滩水库属水平细菌群落结构的主要环境因子, 其次是蓄水量. 整体来说, 冬季样品与 DO 呈显著正相关关系, 与水温和蓄水量呈显著负

相关关系, 夏季样品则相反. 相比夏季和冬季, 春季和秋季细菌群落受 pH、COD、 NH_4^+ -N、 NO_2^- -N、 NO_3^- -N、TN 和 Chla 影响明显, TP 影响较小. 由图 9(d) 可以看出, 影响物种数量的环境因子依次是水温、DO、 NO_2^- -N 和 COD, TP 对相对丰度大于 0.1% 的物种无显著影响. 水温与 *Domibacillus* 和 *Acidibacter* 呈显著负相关关系, 与 *Rhodoferrax*、*Polaromonas*、*Candidatus_Aquiescens* 和 *Flavobacterium* 呈显著负相关关系, DO 对物种的影响与水温相反. 蓄水量与 *Domibacillus* 和 *Acidibacter* 属呈显著正相关关系, 与 *Rhodoferrax* 和

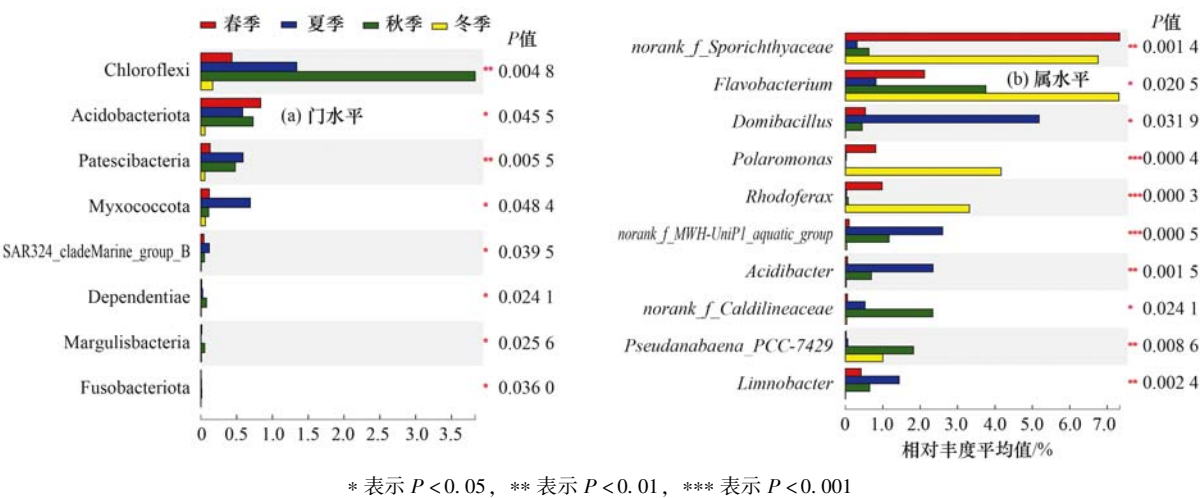


图 5 棘洪滩水库不同季节细菌群落结构组成差异
Fig. 5 Differences in bacterial community in different seasons in Jihongtan Reservoir

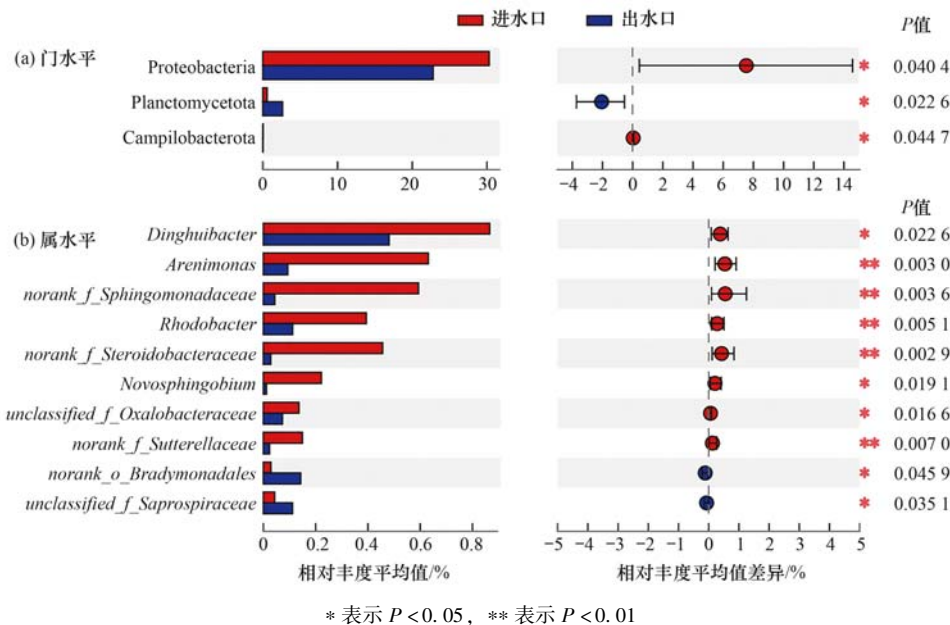


图 6 棘洪滩水库进水口和出水口细菌群落结构组成差异
Fig. 6 Differences in bacterial community at water inlet and outlet in Jihongtan Reservoir

Flavobacterium 呈显著负相关关系。

3 讨论

水温、DO 和 pH 等理化性质能够直接反映水体质量^[13],本研究期间棘洪滩水库水温在各月份存在显著差异(图 1);pH 变化可能归因于浮游植物的光合作用^[14],浮游植物光合作用需要吸收 CO₂,促使 HCO₃⁻ 水解,释放 OH⁻,导致水体呈现弱碱性;DO 变化与水温相反,与胡鹏等^[15]研究的结果一致。Diaz 等^[16]研究发现,DO 与有机污染物的污染程度有关,是衡量水体有机污染的重要指标;降雨会引起 NH₄⁺-N 增加^[17],棘洪滩水库 7 月蓄水来源于峡山水库汛期泄水,是导致夏季进水口 NH₄⁺-N 和 TN 增加的主要原因,秋季 NH₄⁺-N 和 TN 含量下降(图 1),

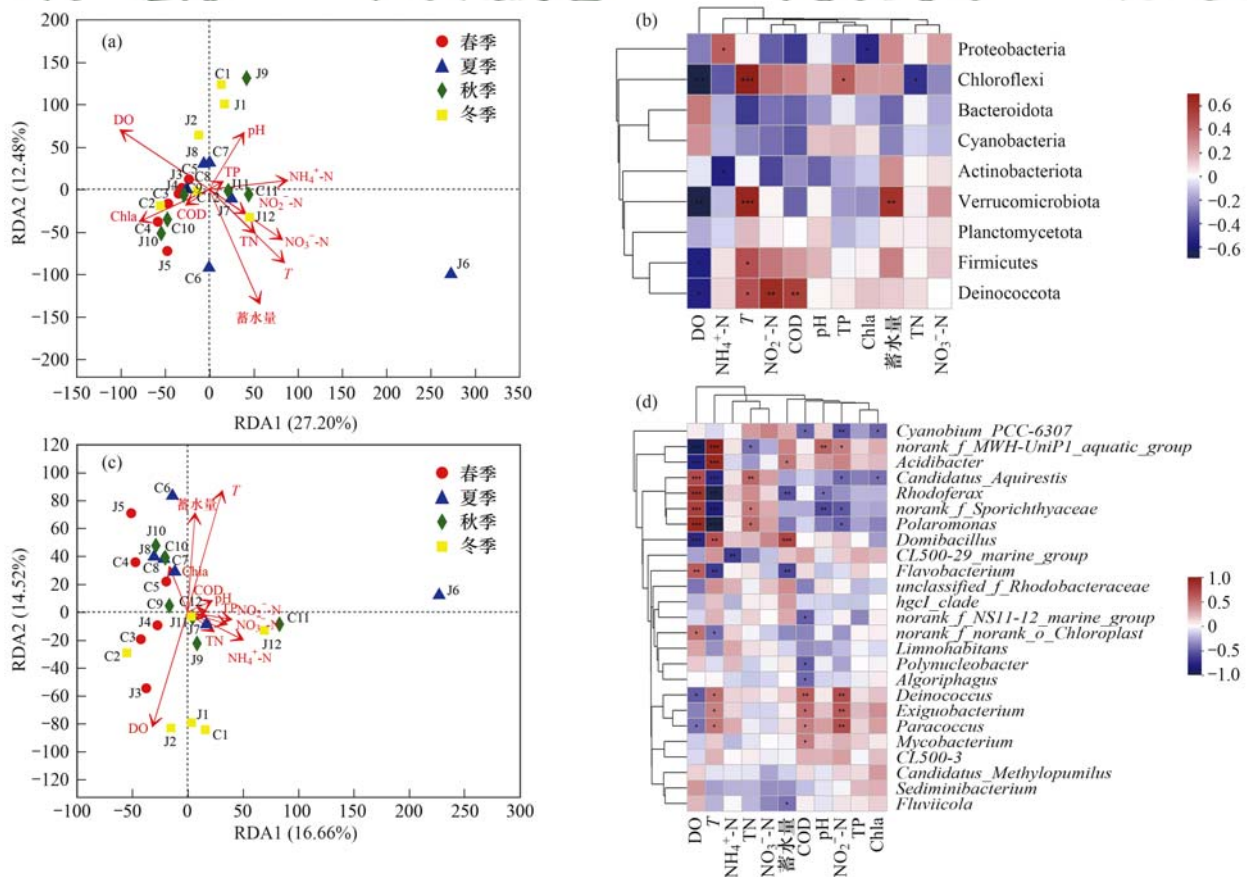
与浮游植物繁殖以及 8 月和 9 月蓄水量减少有关^[18];棘洪滩水库冬季蓄水主要来源于南水北调东线工程,董贯仓等^[19]发现南水北调东线工程冬季 COD 较高[(15.90 ± 7.67) mg·L⁻¹],因此蓄水水源是导致冬季 COD 较高的主要原因。冬季浮游植物死亡引起水库 COD 增加^[20],导致出水口 COD 高于进水口,此外,微生物代谢速率减慢、COD 去除能力降低加剧了这一现象。整体来看,出水口 NH₄⁺-N、NO₃⁻-N 和 TN 低于进水口(图 1),说明外源引入是棘洪滩水库氮素和有机物的主要来源,且棘洪滩水库存在一定的水体自净能力。
α 多样性指数是反映细菌群落结构特征的重要指标,研究期间棘洪滩水库细菌多样性和丰富度均表现为夏季最高,冬季最低(图 2),夏季温度有利于

细菌生长繁殖,冬季低温则对细菌的生长繁殖产生抑制作用^[15,21];7月和8月水库水源由引黄济青工程和南水北调东线工程转变为峡山水库调水,可能是造成这一现象的另一原因。

春季和冬季棘洪滩水库细菌群落结构组成相似度较高,夏季与秋季细菌群落结构组成相似度较高(图3)。除温度影响外,浮游植物和蓄水水源是影响细菌群落结构组成的原因^[22,23]。Actinobacteriota、Proteobacteria、Bacteroidota 和 Cyanobacteria 为棘洪滩水库优势菌门[图4(a)],Parnlekar 等^[8]对挪威淡水湖泊研究也得出了类似结论。不同的是,棘洪滩水库中 Firmicutes 相对丰度较高,黄河引水源可能是导致 Firmicutes 丰度变化的主要原因^[24],此外, Firmicutes 能够通过产生孢子应对环境变化^[25],导致6月和11月 Firmicutes 相对丰度增加。与 Chi 等^[24]结果不同的是, Acidobacteria 在棘洪滩水库中并非优势菌门,可能是受到南水北调东线工程蓄水来源的影响^[26]。Proteobacteria 和 Actinobacteriota 是典型的淡水菌^[27]。有研究表明,Proteobacteria 在氮硫循环和有机物降解中起到重要作用,并且能够参与反硝化作用^[28],进水口 TN、NH₄⁺-N 和 COD 高于出水

口(图1),且 Proteobacteria 与 NH₄⁺-N 呈显著正相关[图9(b)],因此导致进水口 Proteobacteria 相对丰度高于出水口[图6(a)]。Actinobacteriota 相对丰度春季和夏季高于秋季和冬季,Actinobacteriota 适宜水质较好环境^[29],春季和夏季 COD 较低可能与此有关。秋季 Cyanobacteria 相对丰度会迅速增加^[30],与秋季浮游植物大量繁殖,水体有机物含量增多有关,此外,冬季 TN 增加可能会促进 Cyanobacteria 的生长繁殖^[31]。棘洪滩水库部分代表性细菌存在显著季节变化,Chloroflexi 和 Acidobacteria 可以作为水体质量指示微生物^[32],棘洪滩水库秋季 Chloroflexi 和 Acidobacteria 相对丰度较高[图5(a)],说明秋季存在一定程度污染(图1)。Dependentiae 中大部分种群寄生于真核微生物^[33],秋季浮游植物的大量繁殖,是造成其不同季节存在显著差异的主要原因。Margulisbacteria 能够参与硫酸盐和 NO₂⁻-N 的还原过程,因此秋季 NO₂⁻-N 增加引起其相对丰度的增加, Patescibacteria 能够间接参与有机物的降解和厌氧氮氧化过程^[34],对水质净化起到一定作用。

有研究表明, *hgcl_clade* 和 *CL500_29_marine_group* 广泛存在于淡水水体中,并且能够吸收有机碳



(a) 门水平 RDA, (b) 门水平 Heatmap, (c) 属水平 RDA, (d) 属水平 Heatmap, * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

图9 棘洪滩水库细菌与环境因子相关性分析

Fig. 9 Correlation analysis between bacteria and environmental factors in Jihongtan Reservoir

和含氮化合物^[35,36],提高水体自净能力。*Exiguobacterium*具有一定的 NO_3^- -N还原能力,其相对丰度变化可能受到水体中 NO_3^- -N含量的影响.不同季节存在显著差异的菌属有*Flavobacterium*、*Domibacillus*、*Acidibacter*、*Limnobacter*、*Polaromonas*和*Rhodoferrax*等[图5(b)].*Flavobacterium*相对丰度的增加,与水体富营养化程度升高有关^[37],*Flavobacterium*属于典型的反硝化细菌,冬季TN增加,导致*Flavobacterium*相对丰度的增加,此外,冬季以南水北调东线工程为主要蓄水源,是造成这一现象的另一原因^[20].有研究表明,*Domibacillus*适宜在温度较高的环境下生存^[38].*Acidibacter*相对丰度随水温升高而增加,王欢等^[39]也有类似发现.*Acidibacter*属于条件致病菌^[40],夏季相对丰度较高[图5(b)],可能存在一定的生态风险.*Limnobacter*相对丰度变化可能受到*Patescibacteria*的影响,*Limnobacter*能够降低*Patescibacteria*对环境的敏感程度^[41].*Polaromonas*和*Rhodoferrax*在温度较低的环境中生命力强,且*Rhodoferrax*能够参与氮循环过程^[42,43].

通过共生网络分析可知,春季和秋季节点连接程度较高,细菌间关系复杂[图7(a)和7(b)],夏季和冬季则相反[图7(c)和7(d)],可能由于水温变化影响了细菌间的相互作用.相比于其它季节,秋季节点之间的连线明显变粗,这与浮游植物大量繁殖,为细菌提供了适宜的生存环境有关^[14].从相关性来看,冬季正相关关系占比最高[图7(d)],说明冬季细菌之间主要是以互利共生关系为主,春季负相关关系占比最高[图7(a)],说明春季细菌之间存在大量的竞争和拮抗作用^[44].模块化程度表现为冬季最高[图7(d)],春季最低[图7(a)],说明冬季互作关系主要发生在小范围细菌之间,整体细菌群落之间互作关系相对简单,可能与冬季水库内湍流度较低有关.通过对连接程度较高的关键物种进行注释,发现春季以*Sphingorhabdus*(鞘氨醇单胞菌属)、*Polynucleobacter*(多核杆菌属)、*Paludibaculum*、*Rhodoferrax*和*Flavobacterium*为主[图7(a)],夏季以*Flavobacterium*、*Dinghuibacter*和*Acidibacter*为主[图7(b)],秋季以*Paenisporosarcina*、*Candidatus _Chloroploca*和*Flavobacterium*为主[图7(c)],冬季以*Solitalea*、*Pseudorhodobacter*(假红杆菌属)、*Methylobacter*(甲基养杆菌属)和*Rhizobacter*(根瘤杆菌属)为主[图7(d)].细菌群落间互作关系的复杂程度和关键物种在不同季节均存在显著差异.水库内水面宽广,湍流度小,是造成出水口比进水口细菌间关系复杂,模块化程度低的主要原因^[45].进水

口和出水口正相关关系占比高于负相关关系(图8),说明细菌间以互利共生关系为主.通过关键物种注释发现,进水口以*Rhodoferrax*、*Pseudarcicella*、*norank_f_Sporichthyaceae*和*Methylobacter*为主[图8(a)],出水口以*Rhodoferrax*、*Candidatus _Chloroploca*、*Sphingorhabdus*、*Methylobacter*、*Flavobacterium*和*Acidibacter*为主[图8(b)].

水温和DO是影响棘洪滩水库细菌群落结构季节特征的主要环境因子[图9(a)和9(c)],Chen等^[46]研究也得出类似结论.*Acidibacter*具有反硝化功能^[47],与 NO_2^- -N呈显著正相关关系;而*Polaromonas*能够参与硝化过程,与 NO_2^- -N呈显著负相关.*Domibacillus*和*Acidibacter*夏季相对丰度较高[图9(d)],与夏季蓄水量增加有关^[27].*Rhodoferrax*、*norank_f_Sporichthyaceae*、*Polaromonas*、*Candidatus_Aquiestis*和*Flavobacterium*冬季相对丰度较高[图4(b)],因此水温、DO和蓄水量对细菌群落结构的影响主要表现为改变优势菌属的相对丰度.蓄水量对细菌群落结构的影响主要体现在引入外源细菌,影响水体原有的细菌群落结构;同时通过影响水体理化指标间接影响细菌群落结构组成.TN、 NO_3^- -N、 NO_2^- -N、pH、COD和Chla通过影响*Deinococcus*(异常球菌属)和*Paracoccus*等春季和秋季优势菌属的相对丰度进而影响细菌群落结构组成.

4 结论

(1) 棘洪滩水库细菌Shannon、Simpson、Chao和ACE指数存在明显的季节变化,细菌群落多样性和丰富度指数表现为夏季高于冬季,进水口高于出水口;细菌群落结构组成春季和冬季相似,夏季和秋季相似,气候、浮游植物和蓄水量是影响细菌群落结构组成在不同季节存在显著差异的主要因素.

(2) 棘洪滩水库优势菌门为Actinobacteriota、Proteobacteria、Bacteroidota和Cyanobacteria,Chloroflexi、Dependentiae、Fusobacteriota、Margulisbacteria、Patescibacteria、Myxococcota和Acidobacteria不同季节存在显著差异,Proteobacteria、Campilobacterota和Planctomycetota进水口和出水口存在显著差异;优势菌属为*hgcI_clade*、*CL500_29_marine_group*和*Limnohabitans*,*Flavobacterium*、*Domibacillus*、*Acidibacter*、*Limnobacter*、*Polaromonas*和*Rhodoferrax*不同季节存在显著差异,*Dinghuibacter*、*Arenimonas*、*Rhodobacter*、*Novosphingobium*进水口和出水口存在显著差异.

(3) 细菌群落间互作关系的复杂程度存在显著季节差异。春季和秋季细菌间互作关系较夏季和冬季复杂, 春季细菌间以竞争和拮抗作用为主, 冬季细菌间以互利共生为主; 不同季节细菌间互作关系的关键物种存在显著差异; 出水口细菌间互作关系较进水口复杂, 都以互利共生为主, 进水口和出水口细菌间互作关系的关键物种存在显著差异。水温、DO、蓄水量和蓄水来源对细菌群落结构组成影响较大。

参考文献:

- [1] Zhou S L, Sun Y, Huang T L, *et al.* Reservoir water stratification and mixing affects microbial community structure and functional community composition in a stratified drinking reservoir [J]. *Journal of Environmental Management*, 2020, **267**, doi: 10.1016/j.jenvman.2020.110456.
- [2] Zhang J Y, Ding X, Guan R, *et al.* Evaluation of different 16S rRNA gene V regions for exploring bacterial diversity in a eutrophic freshwater lake [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **618**: 1254-1267.
- [3] Wang H T, Gilbert J A, Zhu Y G, *et al.* Salinity is a key factor driving the nitrogen cycling in the mangrove sediment [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **631-632**: 1342-1349.
- [4] Roberto A A, Van Gray J B, Leff L G. Sediment bacteria in an urban stream: spatiotemporal patterns in community composition [J]. *Water Research*, 2018, **134**: 353-369.
- [5] 张紫薇, 陈召莹, 张甜娜, 等. 基于高通量绝对定量测序解析岗南水库微生物群落的时空分布特征及关键驱动因素 [J]. *环境科学学报*, 2022, **42**(2): 224-239.
- [6] Zhang Z W, Chen Z Y, Zhang T N, *et al.* Spatiotemporal characteristics and key driving factors of microbial community evolution based on high-throughput absolute quantification sequencing in the Gangnan Reservoir [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2022, **42**(2): 224-239.
- [7] Shang Y Q, Wu X Y, Wang X B, *et al.* Factors affecting seasonal variation of microbial community structure in Hulun Lake, China [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **805**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.150294.
- [8] Chen J, Wu J L, Liu M, *et al.* Bacterial community structure in the surface sediments of different habitats of Baiyangdian Lake, Northern China: effects of nutrient conditions [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2021, **21**(4): 1866-1874.
- [9] Parulekar N N, Kolekar P, Jenkins A, *et al.* Characterization of bacterial community associated with phytoplankton bloom in a eutrophic lake in South Norway using 16S rRNA gene amplicon sequence analysis [J]. *PLoS One*, 2017, **12**(3), doi: 10.1371/journal.pone.0173408.
- [10] Dang C Y, Wang J W, He Y F, *et al.* Rare biosphere regulates the planktonic and sedimentary bacteria by disparate ecological processes in a large source water reservoir [J]. *Water Research*, 2022, **216**, doi: 10.1016/j.watres.2022.118296.
- [11] 赵先富, 于军, 葛建华, 等. 青岛棘洪滩水库浮游藻类状况及水质评价 [J]. *水生生物学报*, 2005, **29**(6): 639-644.
- [12] Zhao X F, Yu J, Ge J H, *et al.* Study on the phytoplankton and water quality of Jihongtan Reservoir in Qingdao [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2005, **29**(6): 639-644.
- [13] 芮翠杰, 马继平, 刘玉华, 等. 青岛棘洪滩水库氮磷营养盐分析 [J]. *水资源保护*, 2012, **28**(3): 51-54.
- [14] Rui C J, Ma J P, Liu Y H, *et al.* Analysis of nitrogen and phosphorus nutrients in Jihongtan Reservoir [J]. *Water Resources Protection*, 2012, **28**(3): 51-54.
- [15] Yang X, Huang T L, Zhang H H. Effects of seasonal thermal stratification on the functional diversity and composition of the microbial community in a drinking water reservoir [J]. *Water*, 2015, **7**(10): 5525-5546.
- [16] 张士杰, 闫俊平, 李国强. 流域梯级开发方案调整的水温累积影响研究 [J]. *水利学报*, 2014, **45**(11): 1336-1343.
- [17] Zhang S J, Yan J P, Li G Q, *et al.* Cumulative effects of cascade development project adjustment on water temperature [J]. *Journal of Hydraulic Engineering*, 2014, **45**(11): 1336-1343.
- [18] 秦保平, 孙韧, 王德龙, 等. 引滦河道中水质偏碱的起因研究 [J]. *环境科学研究*, 1999, **12**(5): 38-42.
- [19] Qin B P, Sun R, Wang D L, *et al.* Study on the causes of water bias alkalinity in Luanhe River channel [J]. *Research of Environmental Sciences*, 1999, **12**(5): 38-42.
- [20] 胡鹏, 杨庆, 杨泽凡, 等. 水体中溶解氧含量与其物理影响因素的实验研究 [J]. *水利学报*, 2019, **50**(6): 679-686.
- [21] Hu P, Yang Q, Yang Z F, *et al.* Experimental study on dissolved oxygen content in water and its physical influence factors [J]. *Journal of Hydraulic Engineering*, 2019, **50**(6): 679-686.
- [22] Diaz R J, Rosenberg R. Spreading dead zones and consequences for marine ecosystems [J]. *Science*, 2008, **321**(5891): 926-929.
- [23] 连慧姝, 刘宏斌, 李旭东, 等. 典型入湖河流水体氮素变化特征及其对降雨的响应: 以太湖乌溪港为例 [J]. *环境科学*, 2017, **38**(12): 5047-5055.
- [24] Lian H S, Liu H B, Li X D, *et al.* Characteristics of nitrogen variation and its response to rainfall: a case study in Wuxi port at Taihu Lake Basin [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(12): 5047-5055.
- [25] Wan Y, Ruan X H, Zhang Y P, *et al.* Illumina sequencing-based analysis of sediment bacteria community in different trophic status freshwater lakes [J]. *MicrobiologyOpen*, 2017, **6**(4), doi: 10.1002/mbo3.450.
- [26] 董贯仓, 冷春梅, 丛旭日, 等. 南水北调东线工程运行3年后东平湖浮游植物群落特征及环境驱动因子 [J]. *湖泊科学*, 2022, **34**(1): 61-73.
- [27] Dong G C, Leng C M, Cong X R, *et al.* Phytoplankton community and driving environmental factors in Lake Dongping after 3 years implementation of the east route of South-to-North Water Diversion Project [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2022, **34**(1): 61-73.
- [28] 朱媛媛, 田进军, 李红亮, 等. 丹江口水库水质评价及水污染特征 [J]. *农业环境科学学报*, 2016, **35**(1): 139-147.
- [29] Zhu Y Y, Tian J J, Li H L, *et al.* Water quality assessment and pollution profile identification of Danjiangkou Reservoir, China [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2016, **35**(1): 139-147.
- [30] 冯胜, 高光, 秦伯强, 等. 太湖北部湖区水体中浮游细菌的动态变化 [J]. *湖泊科学*, 2006, **18**(6): 636-642.
- [31] Feng S, Gao G, Qin B Q, *et al.* Variability of bacterioplankton in the north zone of Lake Taihu [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2006, **18**(6): 636-642.
- [32] Xue Y Y, Chen H H, Yang J R, *et al.* Distinct patterns and processes of abundant and rare eukaryotic plankton communities following a reservoir cyanobacterial bloom [J]. *The ISME Journal*, 2018, **12**(9): 2263-2277.
- [33] Zhao W Q, Hu A, Ni Z Y, *et al.* Biodiversity patterns across taxonomic groups along a lake water-depth gradient: Effects of

- abiotic and biotic drivers[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **686**: 1262-1271.
- [24] Chi ZF, Zhu YH, Li H, *et al.* Unraveling bacterial community structure and function and their links with natural salinity gradient in the Yellow River Delta[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **773**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.145673.
- [25] 秦亚玲, 梁宗林, 宋阳, 等. 高通量测序分析云南腾冲热海热泉微生物多样性[J]. *微生物学通报*, 2019, **46**(10): 2482-2493.
- Qin Y L, Liang Z L, Song Y, *et al.* Amplicon-based high-throughput sequencing reveals the microbial diversity in Rehai hot springs, Tengchong, Yunnan Province[J]. *Microbiology China*, 2019, **46**(10): 2482-2493.
- [26] Qu J Q, Li Z, Zhao M, *et al.* Impact of the South-to-North water diversion on the soil microbial community structure in the Miyun Reservoir riparian zone[J]. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 2018, **170**, doi: 10.1088/1755-1315/170/5/052036.
- [27] Wang P, Chen B, Yuan R Q, *et al.* Characteristics of aquatic bacterial community and the influencing factors in an urban river[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, **569-570**: 382-389.
- [28] Chen C, Xu X J, Xie P, *et al.* Pyrosequencing reveals microbial community dynamics in integrated simultaneous desulfurization and denitrification process at different influent nitrate concentrations[J]. *Chemosphere*, 2017, **171**: 294-301.
- [29] Deng J M, Qin B Q, Paerl H W, *et al.* Effects of nutrients, temperature and their interactions on spring phytoplankton community succession in Lake Taihu, China[J]. *PLoS One*, 2014, **9**(12), doi: 10.1371/journal.pone.0113960.
- [30] 徐超, 张军毅, 朱冰川, 等. 夏季太湖梅梁湾水体中细菌的群落结构[J]. *环境监测与预警*, 2015, **7**(1): 37-40.
- Xu C, Zhang J Y, Zhu B C, *et al.* Extensive profiling of a bacterial community during summer in meiliang bay, Lake Taihu[J]. *Environmental Monitoring and Forewarning*, 2015, **7**(1): 37-40.
- [31] 胡传林, 万成炎, 吴生桂, 等. 蓝藻水华的成因及其生态控制进展[J]. *长江流域资源与环境*, 2010, **19**(12): 1471-1477.
- Hu C L, Wan C Y, Wu S G, *et al.* Progress in causes and ecological control of cyanobacterial bloom[J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2010, **19**(12): 1471-1477.
- [32] McLellan S L, Newton R J, Vandewalle J L, *et al.* Sewage reflects the distribution of human faecal *Lachnospiraceae* [J]. *Environmental Microbiology*, 2013, **15**(8): 2213-2227.
- [33] Deeg C M, Zimmer M M, George E E, *et al.* *Chromulinavorax destructans*, a pathogen of microzooplankton that provides a window into the enigmatic candidate phylum dependentiae[J]. *PLoS Pathogens*, 2019, **15**(5), doi: 10.1371/journal.ppat.1007801.
- [34] Hosokawa S, Kuroda K, Narihiro T, *et al.* Cometabolism of the superphylum *Patescibacteria* with anammox bacteria in a long-term freshwater anammox column reactor[J]. *Water*, 2021, **13**(2), doi: 10.3390/w13020208.
- [35] Ghylis T W, Garcia S L, Moya F, *et al.* Comparative single-cell genomics reveals potential ecological niches for the freshwater actinobacteria lineage[J]. *The ISME Journal*, 2014, **8**(12): 2503-2516.
- [36] Liu J W, Fu B B, Yang H M, *et al.* Phylogenetic shifts of bacterioplankton community composition along the Pearl Estuary: the potential impact of hypoxia and nutrients[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, **6**, doi: 10.3389/fmicb.2015.00064.
- [37] 宋淑芬, 杨帆, 高绣纺, 等. 湿地法处理生活污水对仙桃湿地地表水微生物群落结构的影响[J]. *微生物学通报*, 2019, **46**(3): 512-521.
- Song S F, Yang F, Gao X F, *et al.* Effects of sewage treatment on microbial community structure of surface water in Xiantao wetland[J]. *Microbiology China*, 2019, **46**(3): 512-521.
- [38] Sun Q L, Sun Q L. Description of *Domibacillus iocasae* sp. nov., isolated from deep-sea sediment, and emended description of the genus *Domibacillus* [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2016, **66**(2): 982-987.
- [39] 王欢, 赵文, 谢在刚, 等. 碧流河水库细菌群落结构特征及其关键驱动因子[J]. *环境科学*, 2018, **39**(8): 3660-3669.
- Wang H, Zhao W, Xie Z G, *et al.* Bacterial community structure characteristics in the Biliuhe Reservoir and its key driving factors [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(8): 3660-3669.
- [40] Wang Y, Gong J Y, Li J X, *et al.* Insights into bacterial diversity in compost: core microbiome and prevalence of potential pathogenic bacteria [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **718**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.137304.
- [41] Wang C, Liu S T, Xu X C, *et al.* Achieving mainstream nitrogen removal through simultaneous partial nitrification, anammox and denitrification process in an integrated fixed film activated sludge reactor[J]. *Chemosphere*, 2018, **203**: 457-466.
- [42] 丁理, 常玉梅, 杨琦, 等. 我国东北典型河流冰封期细菌多样性的研究——以松花江为例[J]. *环境科学学报*, 2012, **32**(6): 1415-1423.
- Ding C, Chang Y M, Yang Q, *et al.* Bacterial biodiversity in the river in northeast China during the freezing seasons: a case in Songhua River [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2012, **32**(6): 1415-1423.
- [43] Gweon H S, Bowes M J, Moorhouse H L, *et al.* Contrasting community assembly processes structure lotic bacteria metacommunities along the river continuum[J]. *Environmental Microbiology*, 2021, **23**(1): 484-498.
- [44] Hou F R, Zhang H J, Xie W J, *et al.* Co-occurrence patterns and assembly processes of microeukaryotic communities in an early-spring diatom bloom[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **711**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134624.
- [45] 林海, 蔡怡清, 李冰, 等. 北京市妫水河底泥微生物群落结构特征[J]. *生态学报*, 2019, **39**(20): 7592-7601.
- Lin H, Cai Y Q, Li B, *et al.* Characteristics of microbial community structure in Guishui River sediment in Beijing [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(20): 7592-7601.
- [46] Chen M J, Chen F Z, Xing P, *et al.* Microbial eukaryotic community in response to *Microcystis* spp. bloom, as assessed by an enclosure experiment in Lake Taihu, China [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2010, **74**(1): 19-31.
- [47] 孙庆花, 于德爽, 张培玉, 等. 1 株海洋异养硝化-好氧反硝化菌的分离鉴定及其脱氮特性[J]. *环境科学*, 2016, **37**(2): 647-654.
- Sun Q H, Yu D S, Zhang P Y, *et al.* Identification and nitrogen removal characteristics of a heterotrophic nitrification-aerobic denitrification strain isolated from marine environment [J]. *Environmental Sciences*, 2016, **37**(2): 647-654.

CONTENTS

Research Progress of SOA Formation from Anthropogenic VOCs Under Complex Pollution Condition	CHEN Tian-zeng, LIU Jun, MA Qing-xin, <i>et al.</i>	(1201)
Advances in Microbial Degradation and Transformation of Per- and Polyfluoroalkyl Substances (PFASs)	SUN Hong-wen, FANG Bo, CHEN Hao, <i>et al.</i>	(1214)
Research Progress on Remote Sensing Monitoring of Lake Water Quality Parameters	WANG Si-meng, QIN Bo-qiang	(1228)
Research Progress on Trojan-horse Effect of Microplastics and Heavy Metals in Freshwater Environment	ZHAO Wei-gao, TIAN Yi-mei, ZHAO Peng, <i>et al.</i>	(1244)
Temporal and Spatial Characteristics of Net CO ₂ Emissions and Decoupling Analysis in Yangtze River Economic Belt	WU Yi-fan, XU Yang, TANG Yang-bo, <i>et al.</i>	(1258)
Changes in Land Use Carbon Emissions and Coordinated Zoning in China	LI Yuan-yuan, WEI Wei, ZHOU Jun-ju, <i>et al.</i>	(1267)
Multi-dimensional Analysis of the Synergistic Effect of Pollution Reduction and Carbon Reduction in Tianjin Based on the STIRPAT Model	LIU Mao-hui, YUE Ya-yun, LIU Sheng-nan, <i>et al.</i>	(1277)
Railway Emission Trends in China Based on Fuel Life Cycle Analysis	TONG Hui, FAN Zhao-yang, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i>	(1287)
Pollution Characteristics of PM _{2.5} Chemical Composition in Zhejiang Province	ZHOU Jing-qing, YU Lei, CHEN Shu-xin, <i>et al.</i>	(1297)
Seasonal Variations, Size Distributions, and Sources of Chemical Components of Submicron Particulate Matter in Nanjing	XU Zhen-qi, SHANG Yue, DING Feng, <i>et al.</i>	(1310)
Seasonal Variations and Source Apportionment of Carbonaceous Components in Luoyang: Implication for Brown Carbon Contribution	YAN Guang-xuan, HOU Ming-yang, ZHANG Pu-zhen, <i>et al.</i>	(1319)
Establishment and Spatial Distribution of S/IVOCs Emission Inventory in Jiangsu Province in 2019	SONG Tong-ai, ZHANG Jia-ying, GUAN Lu, <i>et al.</i>	(1328)
Compositional Characteristics of Volatile Organic Compounds in Typical Industrial Areas of the Pearl River Delta: Importance of Oxygenated Volatile Organic Compounds	SONG Xin, YUAN Bin, WANG Si-hang, <i>et al.</i>	(1336)
Evolution and Characteristics of Full-process Vehicular VOCs Emissions in Tianjin from 2000 to 2020	SUN Lu-na, ZHONG Chong-zhi, SUN Shi-da, <i>et al.</i>	(1346)
Port-owned Mobile Source Air Pollutant Emission Inventory	XU Xiao-fan, WANG Bao-qing, WU Jun-cheng, <i>et al.</i>	(1357)
Simulation and Regulation of Sustainable Utilization of Water Resources in China Based on Improved Water Resources Ecological Footprint Model	OUYANG Xing-tao, LIAO Hao-yu, JIANG Qiu-xiang, <i>et al.</i>	(1368)
Occurrence Distribution and Risk Assessment of Organophosphate Esters in A Typical Area of the Estuary in the Yellow River Basin	CAO Miao, GUO Chang-sheng, ZHANG Heng, <i>et al.</i>	(1378)
Pollution Characteristics of Organochlorine Pesticides in Water and Sediments of Huixian Karst Wetland in Guilin	YU Yue, XING Xin-li, CHENG Cheng, <i>et al.</i>	(1387)
Risk Assessment and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Surface Sediments from Major River Systems in Maoming City, Guangdong Province	CHEN Xiao-xia, ZHANG Min, LI Bei, <i>et al.</i>	(1397)
Temporal-spatial Distribution and Health Risk Assessment of Heavy Metals in the Surface Water of Ningbo	XU Mei-juan, YANG Jia, REN Xiao-jing, <i>et al.</i>	(1407)
Analysis of Water Chemistry Characteristics and Hydraulic Relationships of Different Water Bodies in Typical Mountain-oasis Systems in the Northwest Inland Area	WANG Shi-yu, SUN Cong-jian, CHEN Wei, <i>et al.</i>	(1416)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Pore-water in the Middle and Upper Reaches of Muwen River	LIU Yuan-qing, ZHOU Le, LÜ Lin, <i>et al.</i>	(1429)
Spatial-temporal Variation in Groundwater Quality and the Contamination Source Analysis in Shihezi-Changji Area	DING Qi-zhen, ZHOU Jin-long, JI Yan-zhen, <i>et al.</i>	(1440)
Analysis of Mechanism and Start-up Thresholds of Seasonal Algal Blooms in a Northern Eutrophic Stratified Reservoir	WEN Cheng-cheng, HUANG Ting-lin, KONG Chang-hao, <i>et al.</i>	(1452)
Characteristics of Benthic Diatom Community Structure and Water Ecological Health Evaluation in the Lalin River Basin	SHAN Tao, YUAN An-long, HUANG Zi-rui, <i>et al.</i>	(1465)
Bacterioplankton Communities and Assembly Mechanisms in Wet Season of Lakes, Nanchang	GAO Peng-fei, WANG Peng, HUANG Yi, <i>et al.</i>	(1475)
Seasonal Variation and Influencing Factors of Bacterial Communities in Storage Reservoirs	DING Ning, YANG Ying-ying, WAN Nian-xin, <i>et al.</i>	(1484)
Vertical Distribution and Source Tracking Analysis of Bacteria Composition and Nitrogen Metabolism Function of a Typical Urban Inland River	TAN Qiu-yang, LÜ Jin-yan, BAI Xian-yu, <i>et al.</i>	(1497)
Contribution Analysis of External Source Pollution Load and Environmental Capacity Estimation of Reservoirs in Central Yunnan Plateau	GUO Yu-jing, LI Hong-bing, WANG Shu-ming, <i>et al.</i>	(1508)
Preparation of Narrow Pore Diameter Phosphorus Containing Cotton Stalk Carbon and Its Adsorption Mechanism for Tetracycline	ZENG Shao-yi, LI Kun-quan	(1519)
Preparation of High Specific Surface Thiourea Modified Peanut Shell Carbon and Adsorption of Tetracycline and Copper	MIN Bing-kun, LI Kun-quan	(1528)
Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes on Different Water Supply Pipes	LIU Chen-xu, BAI Xiao-hui	(1537)
Effects of Vegetation Restoration on Soil Organic Carbon Sequestration and Aggregate Stability in Water-Eroded Environment: A Meta-analysis	YANG Rui-zhe, YANG Shi-long, WENG Xi-zhe, <i>et al.</i>	(1542)
Effects of Warming and Fertilization on Soil Organic Carbon and Its Labile Components in Rice-wheat Rotation	DENG Xu-zhe, HAN Chen, XUE Li-xiang, <i>et al.</i>	(1553)
Horizontal Variation Characteristics of Alpine Grassland Soil Function and Vertical Changes Along Soil Genetic Horizons in the Three-River Headwaters Region	LI Bo-jian, SHEN Cong-cong, LIU Si-yi, <i>et al.</i>	(1562)
CH ₄ Fluxes and Their Comprehensive Greenhouse Effects with CO ₂ Fluxes in Direct-seeded Rice in Poyang Lake Plain	SHI Yuan-zhi, CUI Yuan-lai, CAI Shuo, <i>et al.</i>	(1572)
Vertical Pollution Characteristics and Source Analysis of Soil PAHs in Different Land Use Types	ZHOU Zhi-yan, ZHANG Xiu-xiu, WANG Fei, <i>et al.</i>	(1583)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Per- and Polyfluoroalkyl Substances and Emerging Alternatives in Road Dust, Shijiazhuang	LI Peng-fei, WANG Yuan, YANG Chen, <i>et al.</i>	(1593)
Spatial Distribution Characteristics and Assessment of Heavy Metal Pollution in Cultivated Soil of Agricultural Small Watershed in Typical Mining Area in South China	YANG Yu, GUO Ting-ting, LIU Xiao-li, <i>et al.</i>	(1602)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Heavy Metals in Vegetable Field in the Three Gorges Reservoir Area (Chongqing Section)	SHI Yu-jia, FANG Lin-fa, FANG Biao, <i>et al.</i>	(1611)
Accumulation Characteristics and Influencing Factors of Heavy Metals in Cultivated Land Surface Soil in Lanzhou	KANG Le, PENG Xin-bo, MA Yan-long, <i>et al.</i>	(1620)
Enrichment Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Heavy Metals in the Industrial and Mining Area of Northern Guangdong Province	WANG Yue, MO Li, YU Xin-xiao, <i>et al.</i>	(1636)
Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Heavy Metals in Soil of a Lead Plant in Sanmenxia	LU Xiao-hui, YU Fang-zhong, FAN Yi-ming, <i>et al.</i>	(1646)
Distribution Characteristics and Pollution Assessment of Heavy Metals in Soils of a Testing Range	WANG Shi-yu, LI Chun, ZHAO Hong-wei, <i>et al.</i>	(1657)
Effectiveness and Mechanisms of Chemical Leaching Combined with Electrokinetic Technology on the Remediation of Heavy Metal Contaminated Soil	MA Qiang, WEI Ze-bin, WU Qi-tang	(1668)
Emission Characteristics and Control of Heavy Metals in Secondary Copper Smelting Process	LIN Bing-cheng, WU Guang-long, ZHENG Ming-hui, <i>et al.</i>	(1678)
Heavy Metal Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Soil-crops System in Anhui Section of the Yangtze River Basin	LIU Hai, WEI Wei, HUANG Jian-min, <i>et al.</i>	(1686)
In-situ Remediation Effect of Cadmium-polluted Agriculture Land Using Different Amendments Under Rice-wheat Rotation	ZHANG Lu, TANG Chan, YU Hai-ying, <i>et al.</i>	(1698)
Effect and Persistent Effect of Thiolated Montmorillonite on Safe Production in Cadmium-contaminated Cropland	FENG Xian-cui, CHEN Ya-gang, JIAO Hong-peng, <i>et al.</i>	(1706)
Effects of Earthworm, Straw, and Citric Acid on the Remediation of Zn, Pb, and Cd Contaminated Soil by <i>Solanum photeinocarpum</i> and <i>Pterocypselia indica</i>	CHEN Min-ni, NIE Xiao-qi, ZHANG Xing-feng, <i>et al.</i>	(1714)
Availability of Se-rich Arable Land in High Geological Background Area and Suggestions for Zoning	WANG Rui, LI Yu, YU Jing, <i>et al.</i>	(1727)
Characteristics and Causes of Ge Enrichment in Vegetable Growing Areas of Beixintun Town, Zhangjiakou City	AN Yong-long, YIN Xiu-lan, JIN Ai-fang, <i>et al.</i>	(1735)
Structural Diversity and Its Temporal Variation in the Soil Bacterial Community Under Plantations of <i>Taxodium distichum</i> in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir Area	TAN Xue, DONG Zhi, ZHANG Li-miao, <i>et al.</i>	(1748)
Effect of the Process of Returning Farmland to Forest in the Loess Hilly Area on Soil Fungal Communities	ZHANG Lei, WANG Qiang, YANG Xin-yue, <i>et al.</i>	(1758)
Effects of Chemical Fertilizer Reduction Substitute with Organic Fertilizer on Soil Functional Microbes and Lemon Yield and Quality	WANG Ying-yan, XIONG Zi-yi, LUO Dong-hai, <i>et al.</i>	(1768)
Dynamic Changes in Antibiotic Resistance Genes During Biological Fermentation of Chicken Manure and Pig Manure	ZHANG Dan, PENG Shuang, WANG Dan-qing, <i>et al.</i>	(1780)
Effects of Cow Manure Application on Soil Microbial Community in Farmland	ZHANG Ya-li, GUO Xiao-ming, HU Hui, <i>et al.</i>	(1792)